

RN SEQUENCE FROM N.A.
 EX MEDLINE-98113460; PubMed-9446802;
 KA Waczucha K., Ribeiro P., Charlot C., Renard N., Colliflier B.,
 EA Salles G.;
 RT "A new death receptor 3 isoform, expression in human lymphoid cell
 RI lines and non-Hodgkin's lymphomas";
 RL Biochem Biophys Res Commun 242:376-379(1998).
 DR EMBL: AF026070; AAC39556.1; .
 DR HSSP: P19438; INCF.
 DR InterPro: IPR000484; Death.
 DR InterPro: IPR000561; PCF-like.
 DR InterPro: IPR001368; TNFR.c6.
 DR Pfam: PF00531; death_1.
 DR Pfam: PF00020; TNFR.c6; 2.
 DR SMART: SM00005; DEATH; 1.
 DR SMART: SM00208; TNFR; 2.
 DR PROSITE: PS00017; DEATH_DOMAIN; 1.
 DR PROSITE: PS01186; PCF_2; UNKNOWN_1.
 DR PROSITE: PS00652; TNF_NFPA_1; 2.
 DR PROSITE: PS50050; TNFR_NGFR_2; 1.
 SQ SEQUENCE 426 AA; 45950 MW; 371AA7F16AD29C16 CRC64.

alignment scores:

Quality: 462.50 Length: 471
 Ratio: 1.611 Gaps: 21
 Percent Similarity: 47.77 Percent Identity: 28.025

alignment block:

US-09-525-998a-1 x 014865

Align seq 1/1 to: 014865 from: 1 to: 426

43 CTCCTGAGAGTCTTCTGCTGCTAATAATACCTCAGAGGGTATTGCTGCTGCT 92
 15 LeuLeuLeuValLeuLeuGlyAlaArgAlaGlnGly..... 26
 93 GCTCAGCTAGTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 142
 27GlyThrArgProArg.....CysAspCysAlaG 37
 143 AATAATACCCGCTCAAAATTAATTCGCTACCAAGCTCCACAAA 192
 37 LysAspProHisLysLysLysLysLysLysLysLysLysLysLysLysLys 53
 193 GGAAGCTATCTGTAATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGAT 242
 54 GlyHisLysLeuLysAlaProCysThrGluProCysCysLysAsnSerThrC 70
 243 CAGGAGTGTATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 291
 70 sLeuValCysProGlnAspThrPheLeuAlaTrpGluAsnHisHisAsnS 87
 292 ...CACTGCTCAGCTGCTCAGCTGCTCAGCTGCTCAGCTGCTCAGCTGCT 339
 87 erGluCysAlaArCysGluAlaCysAspGluGlnAlaSerGlnValAla 103
 340 ATCTCTTTTTCAGATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 489
 104 LeuGluAsnCysSerAlaValAlaAspThrArgCysCysCysLysProG 120
 390 GAT 429
 120 yTrpPheValGluCys.....GluValSerGluCysValSerSers 134
 440TTCATATACAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 465
 144 erProPheTyCysGlnProCysLeuLeuAspCysGlyAlaLeuHisArgHis 150
 466CT 509
 151 ThrArgLeuLeuCysSerArgArgAspIhrAspCysGlyThrCysLeuPr 167

510 ACGTTCTTTCTTAAGACAAAACAGAGTGTGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 559
 167 GAllyPheTyGlnHisGlyAspGlyCysValSerCysProThrProProp 184
 560 AAAGCAATGATATGACCAATATGCTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 609
 184 rGSArLeu.....Ala 187
 610 GGCATCTAGGATCTAGGATCTAGGATCTAGGATCTAGGATCTAGGATCTAG 648
 188 GlyAlaProTrpGlyAlaValGlnSerAlaValProLeuSerValAlaGln 204
 649GUCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 670
 204 yGlyArqValGlyValPheTrpValGlnValLeuLeuAlaGlyLeuValV 221
 671 TTTTATCCCT 717
 221 aPheLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeu 237
 718 AAGTCAGAGTCT 767
 238 ProHisLys.....ProValPheAlaAspC 247
 768 GGGGATCT 808
 247 ALAGlyMetGluAlaLeuThrProProPheAlaAlaHisLeuSerProL 264
 809 ACCCAAGCTTCAGTCCACACACACACACACACACACACACACACACACAC 858
 264 euAspSer.....AlaHisThrLeuLeuAlaPro 273
 859 GAGTGTGAGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 896
 274 ProAspSerSerGluLysIleCysThrValGlnLeuValGlyAsnSerTr 290
 897 TACCCCT 924
 296 PThrProGlyTyProGlnThrLeuGlnAlaLeuGlySerGlnValThrT 307
 925GCTCCCTGCTCAGACAGCTGCTCAGACACCTCTCTCTCTCTCT 960
 307 rpSerTrpAspGlnLeuProSerArgAlaLeuGlyPro..... 319
 961 GCTGAGCTTATCTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1010
 320AlaArgAlaProThrLeuSerTr 327
 1011 CCTTCAGAGTGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1060
 327 G.....GlnSerProAlaGlySerProAlaMetLeuLysLys 340
 1061 ATGACCCCTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1110
 340 roGlyPro.....GlnLeuTyAspValMetAspAlaValProAlaArgArg 355
 1111 TGGAGAGAAATTCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1160
 356 TrpLysGluPheValArgThrLeuGlyLeuArgGlnAlaGlnLeuGlnAl 472
 1161 GCTGAGCT 1210
 372 aValGluValGlnLeuGly.....LeuPheArgAspGlnGlnTyGlnMetL 388
 1211 TGGAGCT 1260
 388 euLysHisTrpArgGlnGlnGlnPro.....AlaGlyLeuGlyAla 401
 1261 CTGAGAGCT 1310
 402 ValTyAlaAlaLeuGlnArgMetGlyLysAspCysValGlnAspLe 418


```

310 AAATGCGCAAGGAAATGGGTCAGGCGAGATCTCTTGGACAGTGG 359
311 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
118 ArgGys : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
360 GCGGCAATGCTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 409
361 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
132 rArgAsnThrValCysGlnGlyThrPheArgGluGluAsp 149
340 GTGAAATGTTTTCAGAGCTTCAATGGAGGCTG...TGGCCCAATGG 456
149 eCProGluMet : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 ACCGCG : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
164 MetValLysValGlyAspCysThrProTrpSerAspIleGluCysValHis 180
480 GAATACAGACAGCGGTGGACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 529
180 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
180 StysGluSerGly : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 AGAGTGTGTCTGTCTGTCTGTCTGTCTGTCTGTCTGTCTGTCTGT 579
195 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
195 IuGluThrValThrSerSerProGlyThrProAlaSerProCys : : : : : 209
580 TGGGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 629
210 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 CAAGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 679
219 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
219 rValAlaAlaValValLeuIleValAlaValAlaValPheValCys : : : : : 235
680 TCGCTTCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 729
235 eLLeu : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
730 TACTCCATT : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
242 ProTrpLeuLysGlyIleCysSerGlyGlyGlyAspProGluArg : : : : : 257
768 GGGGAGCTTGAAGGAAATATATATATATATATATATATATATAT 817
258 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
818 TCAGTCT : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
272 eAsnGluIleValSerIleLeuGluPheThrGluValProGluGlu 298
853 TTAGAGTGGGTCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 902
289 MetGluValGluGluProAlaGluProThrGlyValAsnMetLeuSer 305
903 GGTGTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 930
305 eLysGluSerGluHisSerGluGluProAlaGluAlaGluArgSerGln 322
931 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
322 rArgArgLeuLeuValProAlaAsnGluGly : : : : : : : : : 432
979 ACAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1028
333 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1029 CAGGGGCGCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1078
344 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
344 pPheAla : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1079 AGCGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1128
347 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
347 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1129 CCGCTAGGGCTGAGCCAGCAGTACGATCGATCGATCGATCGATCG 1178

```

```

360 LysLeuGlyProMetAspAsnGluIle : : : : : : : : : : :
1179 GCGTGGGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 1228
375 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
375 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1229 GCAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1278
392 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 YSTLR : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1279 CACATGAGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1328
399 : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
399 ValHisThrLeuProAspAlaGluGluThrGluGlyGluAlaGlu 414
seq_name: sp_human_014763

seq_documentation_block:
ID: 014763; PRIMARY: PRI; 440 AA.
AC: 014763;
DI: 01-JAN-1998 (EMBLrel. 05, created)
DT: 01-JAN-1998 (EMBLrel. 05, last sequence update)
ET: 01-JUN-2001 (EMBLrel. 17, last annotation release)
DE: APOLIPOC3S INDUCING RECEPTOR (RAII) R2.
CN: TRAILR2.
OS: Homo sapiens (Human).
NC: Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
OC: Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX: NCBI_TaxID:9606;
RN: []
RP: SEQUENCE FROM N.A. PubMed-9411998;
RX: MEDLINE-97459525; PubMed-9411998;
FA: Walczak H., Timpl M., Esposti M.A., Gahleitner A.S., Smalak P.L., Waugh J.Y.,
PA: Belani M., Timmer M.S., Gerhart M.J., Schenley E.A., Smith C.A.,
EA: Goodwin K.A., Rauch C.T.;
RT: "TRAIL-R2: a novel apoptosis mediating receptor for TRAIL.";
RL: EMBO J. 16:5486-5492(1997);
DR: EMBL; AF014849; AAC51778.1; -.
DR: BSSP; P19438; INCI.
DR: InterPro; IPR000488; Death.
DR: InterPro; IPR001368; INFR_c6.
DR: Pfam; PF00531; death_1.
DR: Pfam; PF00020; TNFR_c6; 2.
DR: SMART; SM00095; DEATH; 1.
DR: SMART; SM00282; TNFR; 2.
DR: PROSITE; PS50017; DEATH_DOMAIN; 1.
DE: FEETTES; PS50527; TNFR_NF1; 1; UNIPROT.
DR: PROSITE; PS50050; INFR_NFR_2; 2.
SQ: SEQUENCE 440 AA; 47850 MW; 69005AT2A8B4879 CRC64;

```

```

alignment_scores:
  Quality: 215.00 Length: 474
  Ratio: 1.014 Gaps: 24
  Percent Similarity: 41.828 Percent Identity: 40.434

alignment_block:
US-09-525-998a-1 x 014763
Align seq 1/1 to: 014763 from: 1 to: 440

16 GGGCTGAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 45
34 ValProLysThrLeuValLeuValAlaAlaValLeuLeuLeuValSe 46
66 ATATGCTGAGGGGTTAT : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
50 rAlaGluSerAlaLeuIleThrGluGluAspLeuAlaProGluGluArg 47
101 TAGGGGACAGGGAGACAGATATAT : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
67 IaAlaProGluGluLysArgSerSerProSerGluGlyLeuCysProPro 84

```

```

139 GCAAAATATATCCACCCACCAATAATATTCATTTGCTGTAACCAAGTCCCA 188
    ||| |||||
84 GlyHisHis1LeSerGluAspGlyArg..... 92
189 CAAGAGAGATCTATTCTATATATCTTTCTAGAGTTGAGGATAGATAGG 238
    ||| |||||
93 .....A 93
239 ACTGACAGGAGCTGTGAGAGAGG.....TCTTCACTGCTTCAGAAAAACAC 285
    ||||| |||||
93 spcys1LeSerCysLysTyrGlyGlnAspTyrSerThrHisTrpAsnAsp 109
286 CTCACACACTGCCCTCAGCTCTCCAAATGCCAAAGCAAAATGGTCAGCT 335
    ||||| |||||
110 LeuLeuPheCysLeuArgCysThrArgCys.....AspSerGlyGluVal 124
336 GCAGATCTCTCTTCACAGCTGACCGGAGACAGCTGTGTGGCTGACGGA 385
    ||||| |||||
124 CLeuLeuSerProCysThrThrArgAsnThrValCysGlnCysGluG 141
486 AGAACCAAGTACGGGCAATTATGTGAGTGAAGAGCTTTTCGAGTGTCAAT 435
    ||||| |||||
141 LuglyThrPheArgGluLysSerProGluMet.....CysArgLys 155
436 TCCAGCCCTC...TCCCTCAATAGGACCGTG..... 462
156 CysArgThrGlyCysProArgGlyMetValLysValGlyAspCysThrPr 172
463 .....CAACTCTCTGTCAGAGAAATAGAAACAGAGTGTGCAATGTC 505
    ||||| |||||
172 GrrpSerAspLecLeuCysValHisLysGluSerGly.....ThrLysH 187
506 ATGAGAGTTCTTTCTTAAGAGAAAGAGAGTGTCTCCTGTAGTAAGTGT 555
    ||||| |||||
187 LsSerGlyGluAlaProAlaValGluLysThrValThrSerSerProGly 203
556 AACAAACCCCTGACAGTGCACCACTTCTGCTACCCACATTCAGCAATCT 605
    ||||| |||||
204 ThrProAlaSerProCys.....SerLe 211
606 TAAGAGACTCAGATCATAGATATATATATATATATATATATATATATAT 655
    ||||| |||||
211 GserGlySerLeuGlyValAlaValAlaValAlaValAlaValAlaValAla 228
656 TCTTGTGCTTTGCTTTTATGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 705
    ||||| |||||
228 ValAlaPheValCys...LysSerLeuLeu..... 236
706 TACCAACGGTGGAGAGTCCAGGCTCTACTGCAT.....GTTTGT..... 744
    ||||| |||||
247 .....TrpLysValValLeuPrcTyrLeuLysGlyLysCysSerG 250
745 AGGAATATGACACTCGAAAGAGAGGAGAGTGTGAAGGAAGTACTACTA 793
    ||||| |||||
250 yGlyGlyLysProGlyArg.....ValAspArgSerSerGlnA 264
794 ACCGCTGTGCTGCAAAACCAAGCTTCACTGCC.....ACT 828
    ||||| |||||
264 rProGlyAlaGlnAspAsnValLeuAsnGlnLeuValSerLeuLeuGln 280
829 CCAGGCTTCACCCCAACCTGGGCTCTACGTCGGTCCCTCCAGTTCACCTT 878
    ||||| |||||
281 ProThrGlnValProGlnGlnGluMetGluValGlnGluProAlaGluPr 297
879 CAGCTCAGTTCACCTATACCGGAGAGTACTGTCGCAATTTTGAGGCTC 928
    ||||| |||||
297 GThrGlyValAsnMetLeuSerProGlyGluSerGluHisLeuLeuGluP 314
929 CC.....CSCAGACAGGTGTGACACCCCTAT 954
    ||||| |||||
314 rAlaGluAlaGluArgSerGlnArgArgArgLeuLeuValProAlaAsn 330
955 CAGGGGGCTGACGCCAATCTTGGACAGAGGCTGTGCTGACCCCATCC 1004

```

```

331 Glucly..... 336
    |||||
1005 CAATATTTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1054
    ||| |||||
336 uThrLeuArgGlnCysPheAspPheAla..... 346
1055 ACATGATTCACCCCGACCCCTCTATCGCCCTGGTCCAGAACTGGCCCTCG 1104
    |||||
347 .....AspLeuValProPhe 351
1105 TTGGGCTGGAGGAATTCGTGGGCGGCTTAGGGCTGAGCGGACACAGAT 1154
    ||||| |||||
352 AspSerTrpGluProLeuMetArgLysLeuGlyLeuMetAspAsnGlu 1168
1155 CGATCGGTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1204
    ||||| |||||
368 C...LysValAlaLysAlaGluAlaAlaGlyHisArgAspThrLeuTyr 1184
    ||||| |||||
1205 GCATGCTTGGGACCTGGAGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 1254
    ||||| |||||
384 hrMetLeuLleLysTrpValAsnLysThr..... 393
1255 GACCTGCTGGGACCTGGTGGTGGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 1304
    ||||| |||||
394 .....GlyArgAspAlaSerValHisThrLeuLeuAspAlaLeuG 407
1305 GATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1323
    ||||| |||||
407 uThrLeuGlyGluArgLeu 413

```


